



TITLE:

# カニクイザル・アカゲザルの主要組織適合複合系の比較(III 共同利用研究2.研究成果)

AUTHOR(S):

森田, 千春; 矢部, 美機子; 吉岡, 幸雄

---

CITATION:

森田, 千春 ...[et al]. カニクイザル・アカゲザルの主要組織適合複合系の比較(III 共同利用研究2.研究成果). 霊長類研究所年報 1983, 12: 46-47

ISSUE DATE:

1983-01-19

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/163032>

RIGHT:

ロラクチン、母体プロラクチンは妊娠猿に Bromocriptine を投与することにより、3つの component と別個の生成がヒトと同様証明された。4)。羊水中に10 $\mu$ Ciのトリチウムを注入し、経時的に30分毎4時間羊水を採取し count 数の変化をみると、羊水中の count 数は減少傾向を示し、母体血は漸増した。羊水は、羊水—母体間の循環が認められたが、その循環を control しているものの1つに羊水中プロラクチンが関与しているか否かを次の実験で証明した。5)。コンゴーレッドの羊水内色素注入法により吸光度を利用した羊水量測定と、同時に羊水中プロラクチン濃度と比較検討した結果、羊水量が少ないほど羊水中プロラクチン濃度は高く、羊水量が多いほど羊水中プロラクチン濃度が低い傾向がみとめられた。更に、羊水中にプロラクチンを注入すると、217 mlの羊水量が300分後には80 ml、250 mlが300分後に120 mlと二頭ともプロラクチン注入後羊水量は著明に減少した。即ち、プロラクチンが羊水中の水の移行に関与していることが示唆された。

#### 設定課題 IV

##### 「霊長類の系統・種分化・種の特性に関する研究」

霊長類における、薬物による姉妹染色分体交換の感受性

及川 淳(東北大・抗酸研)  
遠田 博子( " )

種々の薬物に対する哺乳動物細胞の感受性を調べることは、比較生物学的な観点からだけでなく、実験動物とヒトとの相違を明かにし、実験の対象たり得ないヒトの薬物に対する感受性を推定する理論的根拠を得るという医学的な観点からも大きな意義を有する。この研究においては、末梢血リンパ球、永久培養系リンパ球を対象とし、その姉妹染色分体交換(SCE)誘発に関する薬物感受性の比較を行った。サルは齧歯類動物とヒトとの中間の環をなすものである。

無処理時のSCE — SCE頻度を細胞当りの回数で表わすと(以後も同様)、PHAで活性化したヒト末梢血リンパ球では $12.9 \pm 1.0$ 、S-D系ラットでは $11.2 \pm 0.9$ であり、ニホンザルの値は $8.8 \pm$

0.6であった。

4-ニトロキノリントオキシド(4NQO)により誘発されるSCE — 無処理SCE数を減じた値を誘発SCEとすると、その値は4NQO濃度に依存して増加し、1 $\mu$ Mの濃度で、ヒト・リンパ球は $38.9 \pm 4.8$ 、ラット・リンパ球は $19.7 \pm 1.9$ 、ニホンザル・リンパ球は $24.5 \pm 2.8$ であった。

メチルメタンスルホン酸(MMS)により誘発されるSCE — これも4NQOと同様に濃度依存性を示し、50 $\mu$ Mにおいて、ヒト、ラット、サルのリンパ球はそれぞれ $33.3 \pm 2.4$ 、 $32.0 \pm 2.7$ 、 $27.8$ であった。

いづれの結果もサルについては未だ例数が少く、確実な結果とはいえないが、4NQOにおいてはヒトが特に感受性が高く、MMSにおいてはニホンザルが多少低いこととなる。リンパ球における代謝系及びDNA修復系の活性は、種によりかなりの違いがあることが想定される。更に測定例数を増し、他の二三の薬物に関して測定を行い、種差の存非及びSCE誘発に関する薬物の種類と動物種との関係を明かにしたい。

##### カニクイザル、アカゲザルの主要組織適合複合系の比較

森田 千春(予研・獣疫部)  
矢部美機子\*( " )  
吉岡 幸雄\*( " )

マカカ属の主要組織適合複合系(MHC)についてはアカゲザルのRhL-Aについての研究は進んでいるが他のマカカ属のサルについての研究は不十分である。我々は既にカニクイザルのMHCの分布に地域差の存在することを報告している。一方、アカゲザルとカニクイザルの間には生殖能力のある種間雑種を得ることが出来る。このことは両者が未だ種としての分化が確立していないものと考えられ、両者のMHCを比較することは自己と他を区別する基本的な認識機構であるMHCの進化の研究の上からも重要である。

カニクイザル、アカゲザルのSD抗原用型別血清としては、予研において主として妊娠血清より選別した99例のカニクイザル血清、オランダ・T

\* 共同実験者

NO 研より分与された56例のアカゲザル同種免疫血清を用いた。リンパ球は予研に飼育されているカニクイザル75頭、TNO 研に飼育されているSD 抗原が既知であるアカゲザル38頭および京大霊長研のアカゲザル40頭を用いた。

カニクイザル血清を用いたカニクイザル、アカゲザルの比較では両者に類似した抗原が存在することを示唆する成績は得られなかった。

カニクイザルに対するアカゲザル血清とカニクイザル血清との比較では少数ながら類似する抗原の存在が示唆された。

現在より精細な比較を行いつつあるが両者のMHC はヒトとチンパンジーの比較の成績などから予想される以上に異っている可能性もあり、MHC の進化を考える上からも興味深い。

#### 霊長類ヘモグロビンの一次構造の研究

毎田 徹夫 (長崎大・医)

ヘモグロビンの分子進化に興味をもち、主として霊長類と食虫類のヘモグロビンの一次構造分析を進めている。今回、共同利用研究でシロテナガザル、アジルテナガザル、ベニガオザル、アッサムモンキー、ボンネットモンキー、ノドジロオマキザル、ワタボシタマリン、シルバーマーモセット、オオガラゴについて構造分析を開始した。このうち、シロテナガザル、アジルテナガザル、ワタボシタマリン、シルバーマーモセットは一主成分ヘモグロビンのみをもち、それらの $\alpha$ および $\beta$ 鎖の完全構造を決定した。

分析方法はまず $\alpha$ 鎖と $\beta$ 鎖をCMセルロース・カラムを用いて分離し、それぞれのトリプシン・ペプチドを分離・精製し、さらにそれらのアミノ酸配列を主としてEdman 法により分析した。各トリプシン・ペプチドの $\alpha$ および $\beta$ 鎖中での配列はヒトのものとの相同性より推定した。

分析した2種のテナガザルでは $\alpha$ 鎖も $\beta$ 鎖も全く同じであり、ヒトのものと比較すると両鎖ともそれぞれ3個のアミノ酸変異が認められた。シルバーマーモセットでは $\alpha$ 鎖で4個、 $\beta$ 鎖で5個、またワタボシタマリンでは $\alpha$ 鎖で4個、 $\beta$ 鎖で6個のヒトとのアミノ酸変異が認められた。

オオガラゴの場合は採血した4頭の成獣はセルロゲル電気泳動上、個体差なく2主成分のヘモグ

ロビンが認められた。この2成分をCMセルロース・カラムを用いて分離し、そのサブユニット構成を検索したところ $\alpha$ 鎖は2成分に共通であり、 $\beta$ 鎖が異なっていた。現在この $\alpha$ 鎖および2種類の $\beta$ 鎖の構造を分析中である。また $\alpha$ 鎖の多型性が認められたマカク属の3種、アッサムモンキー、ボンネットモンキー、ベニガオザルについては、現在それらのサブユニット成分の分離を行っており、近く構造分析を始めるつもりでいる。

#### サル主要組織適合抗原系に関する研究

野口 淳夫, 後 藤 裕子  
古川 敏紀, 藤 崎 正 美  
(筑波大・基礎医学系)

目的: ニホンザル白血球抗原 (Japanese monkey leucocyte antigen; JMLA) を解析する目的は、1, RhLA (アカゲザル白血球抗原) に匹敵するHLA系 (ヒト白血球抗原系) のモデルを作る。2, 地理的気候的に多様な日本列島各地に適応し棲息する各群について、JMLAの遺伝子頻度からみた特徴を分析しMHC (Major histocompatibility gene complex) 遺伝子の多様性の生物学的意義を検討する。3, ヒトを含む霊長類のMHC各遺伝子座の遺伝子産物の系統発生的関係を考察する。4, 遺伝子レベルにおける精度の高い個体識別法を確立し、ニホンザルの社会学的、生態学的研究の進展に寄与する、等である。結果: 前年度および本年度に作製した91種の同種抗白血球血清 (ニホンザル65種、アカゲザル26種) と53頭の新血縁ニホンザルリンパ球の反応を細胞毒性テストによって検査した。これらの結果に基づき、2つの血清間の相関分析を $\chi^2$ 検定し、 $|r|$ 値 $\geq 0.4$ の相関を示したものをまとめたところ、18のクラスターが出現した。更にこの preliminary cluster 18種を規定する抗血清のうち、46種を選び、原液から32倍まで倍々希釈した。これらの希釈血清と40頭の新血縁ニホンザルTリンパ球を反応させ、反応パターンの類似性を検討したところ、6種のグループを得、これらを仮にJMLA 1, 2, 4, 9, 14, 3.2と命名した。このうち1, 2, 4, 9は第1の遺伝子座にまた14, 3.2は第2の遺伝子座によって支配されるという仮説をMaximum likelihood methodsを用いて検定したところ成立することが